

GeneStream align Home Pagealign Search Help

# align Results

Please site: *Pearson, W.R., Wood, T., Zhang, Z., and Miller, W. (1997)*  
*Comparision of DNA sequences with protein sequences, Genomics 46: 24-36*

```

>_ HrpW                                     1275 nt vs.
>_ HopPtoA_SEQIDNO6                         1461 nt
scoring matrix: , gap penalties: -12/-2
48.4% identity;          Global alignment score: 5

      10          20          30
878851 ATGAGCATCG-----GCATCACACCCCGGCC-----GCAACAGAC-----CA
      ::  ::::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::
      ATGCACATCAACCGACGCGTCCAACAACCGCCTGTGACTGCGACGGATAGCTTTCGGACA
      10          20          30          40          50          60

      40          50          60          70          80
878851 CCACGCCACTCGATTTTT-----CGGCGCTAAGCG-----GCAAGAGTCCTCAACC-
      :  :  ::  ::  :  ::  :  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::
      GCGTCCGACGCGTCTCTTGCTCCAGCTCTGTGCGATCTGTGAGCTCCGATCAGCAACGC
      70          80          90          100         110         120

      90          100         110         120         130
878851 -----AAACACGTTTCGGCGAGCAGAACACTCAGCAAGCGATCGACCCGAGTGCACTGTTG
      ::  ::  :  :  ::  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
      GAGATAAATGCGATTGCCGATTACCTGACAGATCATGTGTTCTGCTGCGCATAAACTGCCG
      130         140         150         160         170         180

      140          150          160
878851 -----TTCGGC-----AGC-----GACACACAGAAAG---ACGTCAA----
      :::::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::
      CCGGCCGATTTCGGCTGATGGCCAAGCTGCAGTTGACGTACACAATGCGCAGATCACTGCG
      190         200         210         220         230         240

      170         180         190         200         210         220
878851 CT--TCGGCACGCCCCGACAGCACCGTCCAGAATCCGCAGG----ACGCCAGCAAGCC-CA
      ::  ::  ::::  ::  ::  ::  ::  :  :  :  ::  ::  ::  ::  :  :
      CTGATCGAGACGCGCGCCAG--CCGCCTGCACTTCGAAGGGGAAACCCCGGCAACCATCG
      250         260         270         280         290

      230          240          250
878851 ACGACA-----GCCAGTCC----AACATCGCTAAATTG-----ATCAGT-GCAT
      :::::  ::::  :  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::
      CCGACACCTTCGCCAAGGCGGAAAAGCTCGACCGATTGGCGACGACTACATCAGGCGCGT
      300         310         320         330         340         350

      260          270          280
878851 TGAT-----CATG---TCGTTGCTGCAG---ATGC-----TCACCA

```

```

      ::          ::::  :::::  :::  ::::  :::  ::
      TCGGGGCGACGCCCTTTGCCATGGCCTCGTTGCTTCAGTACATGCAGCCTGCGATCAACA
-    360          370          380          390          400          410

      290          300          310          320          330          340
878851 ACTCCAATAAAAAGCAGGACACCAATCAGGAACAGCCTGATAGCCAGGCTCCTTTCCAGA
      :  :  ::  ::  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
      AGGGCGATTGGCTGCCGG-CTCCGCTCA--AACCGC-TGA---CCCCGCTCATTTCCGGA
-    420          430          440          450          460          470

      350          360          370          380          390          400
878851 ACAACGGCGGGCTCGGTACACC--GTCGGCCGATAGCGG--GGGCGGCGGTACACCGGAT
      :  :  ::::  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
      GCGCTGTCGGGCGCCATGGACCAGGTGGGCACCAAGATGATGGACCGCGCGACGGGTGAT
-    480          490          500          510          520          530

      410          420          430          440          450
878851 --GCGACAGGTGGCGGCGGCGGTGATACGCCAAGCGCAAC-AGGCGGTGGCGGC---GGT
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
      CTGCATTACCTGAGCGCCTCGCCG---GACAGGCTCCACGATGCGATGGCCGCTTCGGT
-    540          550          560          570          580

      460          470          480          490          500
878851 GATACTCCGACCGCAACAGGCGGTGG-CGGCAG-----CGGTGGCGGCGG--CAC
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
      GAAGCGCCACTCGC--CAAGCCTTGCTCGACAGGTTCTGGACACGGGGGTTGCGGTTTCAG
-    590          600          610          620          630          640

      510          520          530          540          550
878851 ACCCACT-----GCAACAGGTGGCGGCGAGCGG--TGGCACACCCACTG----CAACAGG
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
      ACGTACTCGGCGCGCAAC-GCCGTACGTACCGTATTGGCTCCGGCACTGGCGTCCAGACC
-    650          660          670          680          690          700

      560          570          580          590          600          610
878851 CGGTGGCGAGGGTGGCGT--AACACCGCAAATCACTCCGCAGTTGGCCAACC--CTAACC
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
      CGCCGTGCAGGGTGCTGTGGACCTTGGTGTATCGATG-GCGGGTGGTCTGGCTGCCAACG
-    710          720          730          740          750          760

      620          630          640          650          660
878851 GTACCTCAGGTA----CTGGCTCGGTGTCGGACACCGCAGGTTCTACCGAGCAAGCCGG-
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
      CAGGCTTTGGCAACCGCCTGCTCAGTGT--GCAGTCGCGTGATC-ACC-AGCGTGGCGGT
-    770          780          790          800          810

      670          680          690          700          710
878851 -CA--AGATCAATGT-----GGTGAAAGACACCATCAAGGTCGGCGCTG-GCGAAGTCTT
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
      GCATTAGTGCTCGGTTTGAAGGATAAAGAGCCCA---AGG-CTCAACTGAGCGAAGAAAA
-    820          830          840          850          860          870

      720          730          740          750          760          770
878851 TGACGGCCACGGCGC-----AACCTTCACTGCCGACAAATCTATGGGTAACGGAGACCA
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
      CGACTGGCTCGAGGCTTATAAAGCAATCAAATCGGCCAGCTACTCGGGTG-CGGCGCTCA
-    880          890          900          910          920          930

      780          790          800          810          820
878851 GGGC-GAAATCAGAAGCCCATGTTTCGAGCTGGCTGAAGGCG--CTACGTTGAAGAATGT

```

Elapsed time: 0:00:00